УДК 636.082.12:636.39.034

Научная статья

Открытый доступ

DOI: 10.32634/0869-8155-2025-398-09-69-81

А.И. Суров
В.А. Степаненко ✉
Е.С. Галанова
Е.В. Синякина
Е.Д. Карпова

Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр, Михайловск, Ставропольский край, Россия

✉ *stepanenko-lera@mail.ru*

Поступила в редакцию: 26.03.2025
Одобрена после рецензирования: 11.08.2025
Принята к публикации: 26.08.2025

© Суров А.И., Степаненко В.А., Галанова Е.С., Синякина Е.В., Карпова Е.Д.

Перспективные гены-кандидаты ассоциированные с продуктивностью молочных коз

РЕЗЮМЕ

Понимание генетических факторов, определяющих качественные и количественные характеристики молока, играет ключевую роль в формировании высокопродуктивных популяций коз молочного направления. В последние годы использование генетических маркеров становится неотъемлемой частью селекционного процесса, позволяя существенно ускорить отбор животных с ценными хозяйственными признаками. Настоящая работа представляет аналитический обзор актуальных отечественных и зарубежных исследований, направленных на поиск и изучение генов-кандидатов, ассоциированных с молочной продуктивностью коз. Особое внимание уделяется маркерам, связанным с удоем, составом и технологическими свойствами молока, а также длительностью лактации. Среди наиболее значимых генов выделяются *CSN1S1*, *CSN2* и *CSN3*, кодирующие казеиновые белки и определяющие уровень белка и качество молока. Большую роль играют *DGAT1* и *DGAT2*, влияющие на синтез триглицеридов и содержание жира, а также *POU1F1*, *IGF-1* и *PPARG*, регулирующие эндокринные механизмы роста, обмена веществ и лактации. Помимо них, в разных исследованиях идентифицирован широкий спектр других потенциальных генов-кандидатов, вовлеченных в регуляцию липидного и белкового обмена, клеточных сигнальных путей и физиологических процессов, связанных с молочной продуктивностью. Анализ данных, полученных на различных породах коз (заненской, альпийской, тоггенбургской, нубийской, карачаевской, китайской и др.), подтверждает значимость молекулярно-генетических подходов для совершенствования селекционных программ. Использование маркеров в практическом козоводстве позволит не только увеличить объемы производства молока, но и обеспечить его высокое качество, что имеет важное значение для устойчивого развития отрасли.

Ключевые слова: молочные козы, гены-кандидаты, генетические маркеры, гены, молочная продуктивность, качество молока

Для цитирования: Суров А.И., Степаненко В.А., Галанова Е.С., Синякина Е.В., Карпова Е.Д. Перспективные гены-кандидаты ассоциированные с продуктивностью молочных коз. *Аграрная наука*. 2025; 398(09): 69–81.
https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-398-09-69-81

Research article

Open access

DOI: 10.32634/0869-8155-2025-398-09-69-81

Alexander I. Surov
Valeria A. Stepanenko ✉
Ekaterina S. Galanova
Elena V. Sinyakina
Ekaterina D. Karpova

North Caucasus Federal Agrarian Research Centre, Mikhailovsk, Stavropol region, Russia

✉ *stepanenko-lera@mail.ru*

Received by the editorial office: 26.03.2025
Accepted in revised: 11.08.2025
Accepted for publication: 26.08.2025

© Surov A.I., Stepanenko V.A., Galanova E.S., Sinyakina E.V., Karpova E.D.

Promising candidate genes associated with dairy goat productivity

ABSTRACT

Understanding the genetic factors that determine the qualitative and quantitative characteristics of milk plays a crucial role in the development of highly productive dairy goat populations. In recent years, the use of genetic markers has become an integral part of breeding programs, allowing for a significant acceleration in the selection of animals with valuable production traits. This article provides an analytical review of current national and international studies aimed at identifying and characterizing candidate genes associated with dairy performance in goats. Particular attention is given to genetic markers linked to milk yield, composition, technological properties, and lactation persistency. Among the most significant genes are *CSN1S1*, *CSN2*, and *CSN3*, encoding casein proteins that strongly influence protein content and milk quality. Equally important are *DGAT1* and *DGAT2*, which regulate triglyceride synthesis and fat content, as well as *POU1F1*, *IGF-1*, and *PPARG*, which control endocrine mechanisms of growth, metabolism, and lactation. In addition, a wide range of other candidate genes has been identified, involved in lipid and protein metabolism, cellular signaling pathways, and physiological processes underlying milk production. The analysis of data obtained in various breeds, including Saanen, Alpine, Toggenburg, Nubian, Karachai, and Chinese goats, highlights the relevance of molecular-genetic approaches in improving breeding programs. The implementation of marker-assisted selection in dairy goat husbandry will not only increase milk yield but also ensure high product quality, which is essential for the sustainable development of the industry.

Key words: dairy goats, candidate genes, genetic markers, genes, milk production, milk quality

For citation: Surov A.I. Stepanenko V.A., Galanova E.S., Sinyakina E.V., Karpova E.D. Promising candidate genes associated with dairy goat productivity. *Agrarian science.* 2025; 398(09): 69–81 (in Russian).
https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-398-09-69-81

Введение/Introduction

Козоводство является одной из крупных отраслей сельского хозяйства, которая обеспечивает население молоком, мясом, шерстью, пухом и шкурами. Козы (*Capra hircus*) были одомашнены еще в эпоху позднего неолита, примерно 10,5 тыс. лет назад, и с тех пор ведется активная селекционная работа по улучшению их хозяйственно полезных качеств [1]. К основным преимуществам коз можно отнести хорошую адаптационную пластичность к природно-климатическим условиям среды, неприхотливость при содержании, высокую резистентность к заболеваниям, что способствует их разведению в регионах со скудной кормовой базой и разными схемами ведения хозяйства [2–4].

Одним из важных продуктов, получаемых от коз, является молоко, которое высоко ценили во все времена. В первую очередь это объясняется его схожестью по составу с женским грудным молоком, богатым витаминным составом, а также лучшей перевариваемостью протеинов и меньшей аллергенностью в сравнении с коровьим [5, 6].

В последние десятилетия наблюдается рост интереса к молочному козоводству как к эффективному и устойчивому источнику получения молочной продукции [7, 8]. Вместе с тем, по данным официальной статистики, численность коз в России сокращается: с 1748,2 тыс. голов на начало 2023 года до 1632,0 тыс. на начало 2024-го, что соответствует снижению на 6,6%. В сельскохозяйственных организациях содержатся 129,4 тыс. коз, из которых 49,3 тыс., или около 38%, относятся к специализированным молочным породам: зааненской, альпийской, тоггенбургской, нубийской и мурсиано-гранадской [9].

Сокращение поголовья при одновременном росте спроса на козье молоко и продукты его переработки указывает на необходимость повышения продуктивности и эффективности разведения животных. Одним из наиболее перспективных инструментов решения этой задачи является геномная селекция, основанная на выявлении и использовании генетических маркеров, связанных с молочной продуктивностью. Выработка молока и его компонентов во многом зависит от генетических механизмов наследования, а также от работы генов, на экспрессию которых может оказывать влияние взаимодействие животного с окружающей средой [10, 11]. При использовании современных методов селекции становится возможным улучшение природного потенциала молочных коз, что позволяет не только увеличить объемы производства, но и сбалансированно преобразовать качество молока, которое важно как с точки зрения питательной ценности, так и в контексте технологических характеристик [12, 13].

Понимание генетических факторов, влияющих на количественные и качественные характеристики молока, является ключевым шагом к созданию более продуктивных популяций коз молочного направления, что в конечном счете способствует укреплению продовольственной безопасности и повышению качества жизни населения [14].

В настоящей статье представлены современные данные о поиске новых генов-кандидатов, ассоциированных с экономически значимыми признаками у коз молочных пород.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

В качестве материала исследования были использованы научные публикации отечественных и зарубежных авторов за 2017–2025 годы, затрагивающие тему данной работы. Поиск публикаций осуществляли при помощи научных электронных библиотек и баз данных eLIBRARY.RU, ScienceDirect, PubMed, Scopus, WOS и ResearchGate, применяли теоретические методы исследования (анализ, классификацию и обобщение).

Результаты и обсуждение / Results and discussion

В последние десятилетия генетические маркеры всё шире используют в козоводстве для ускорения селекции высокопродуктивных животных. Особый интерес представляют гены-кандидаты, полиморфизмы которых связаны с важнейшими хозяйственными признаками — удоем, составом и качеством молока, а также длительностью лактации. Большую часть работ проводили на животных зааненской породы, так как они являются наиболее многочисленными и разводятся во многих странах для получения козьего молока [7, 15–17]. Кроме того, исследования охватывали и другие породы, включая чешскую, альпийскую, новозеландскую, тоггенбургскую, нубийскую, карачаевскую и китайские породы коз.

Зааненская порода является наиболее распространенной во всём мире благодаря своей неприхотливости в содержании, высокой удойности и питательности молока. В связи с этим именно на ее примере чаще всего проводят исследования, посвященные изучению влияния генетических полиморфизмов на показатели молочной продуктивности коз [7, 16, 17].

В совместной научной работе китайских и иранских авторов приводятся результаты исследования, выполненного на козах зааненской породы с целью выявления новых генов-кандидатов, влияющих на морфологические параметры вымени. Известно, что форма и размер вымени напрямую влияют на пригодность животных к машинному доению и на количество удоя [18].

Полученные данные X. Yao *et al.* (2025) свидетельствуют о значимом влиянии генов *GJB5* (gap junction protein beta 5), *PKN2* (protein kinase N2), *KTN1* (kinectin 1) и *NAV3* (neuron navigator 3) на форму вымени. Была определена наиболее достоверная связь SNP rs637762786 (G/A) с показателями ширины и глубины вымени. Данный полиморфизм выявлен на хромосоме 3 в межгенной

области гена *GJB5* и находится в положении 9872130 п. н. Два потенциальных гена-кандидата *PKN2* и *NAV3*, работа которых может оказывать влияние на расстояние между сосками, расположены на хромосомах 3 и 5. В то же время полиморфизмы в генах *PKN2* и *KTN1* показали достоверную связь с шириной вымени [19].

В исследованиях E. Talouarn *et al.* (2020) была обнаружена ассоциативная связь между объемом надоев и однонуклеотидными заменами в генах *SCIMP* (SLP adaptor and CSK interacting membrane protein) и *ZNF232* (zinc finger protein 232) у зааненских коз. Авторы утверждают, что полученные данные могут только предположительно указывать на взаимосвязь между вышеописанными генами и молочной продуктивностью коз, но при этом известно, что гены *SCIMP* и *ZNF232* участвуют в метаболизме липидов. Это дает основание для их дальнейшего изучения [20].

Исследования канадских и швейцарских авторов, проведенные на козах зааненской и альпийской пород, указывают на достоверное влияние полиморфизмов в генах из группы zinc finger protein на молочную продуктивность. Конкретно в рамках данного исследования это SNP в генах *ZNF16* (zinc finger protein 16), *ZNF34* (zinc finger protein 34) и *ZNF250* (zinc finger protein 250) с локализацией на 14-й хромосоме в положениях 81658383 п. н., 80928058 п. н. и 80964881 п. н. Кроме того, в работе описано влияние гена *DGAT1* (diacylglycerol O-acyltransferase 1) на содержание жира в молоке в период первой лактации [21].

О значимости гена *DGAT1* в селекции молочных коз утверждается и в более ранней работе — у коллектива P. Martin *et al*. (2017), где были обнаружены 2 экзонические мутации — R251L(G/T) и R396W(C/T), которые приводят к заменам в аминокислотной последовательности белка. Животные — носители данных мутаций — имели более низкие показатели жира в молоке, в отличие от коз с диким типом аллеля [22].

В другом исследовании, проведенном на козах зааненской, альпийской пород и их помесях, авторами Ferreira L. *et al.* (2020) было изучено влияние полиморфизмов генов *UCP2* (uncoupling protein 2) и *PPARG* (peroxisome proliferator-activated receptor gamma) на молочную продуктивность. Ген *UCP2*, расположенный на 15-й хромосоме, играет важную роль в регуляции энергетического метаболизма клеток. Обнаруженный в нем SNP, локализованный в положении 29614171 п. н. (G/A), был ассоциирован с изменением белка, жира и сухого вещества в молоке. Так, животные — носители GG-генотипа имели более высокие вышеуказанные показатели в сравнении с другими генотипами. Второй исследуемый полиморфизм гена *UCP2* локализовался в положении 29615319 п. н. (G/A). Животные — носители GG-генотипа имели достоверно большие значения белка и сухого вещества, а носители AA-генотипа превосходили другие генотипы по показателю лактозы.

Оценивая результаты проведенных исследований в отношении гена *PPARG*, авторы обнаружили как одиночную замену, локализованную на 22-й хромосоме в положении 56726759 п. н. (C/A), так и делецию трех пар оснований, находящихся между 56126835 п. н. и 56126837 п. н. (GAG). В работе указывается влияние комбинации данных мутаций на молочную продуктивность коз, проявившееся в достоверных различиях в объеме удоя, содержании белка, лактозы и сухого вещества [23].

О значимости генов *APOB* (apolipoprotein B), *SLC27A6* (solute carrier family 27 member 6) *AGPAT6* (1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase 6), играющих ключевую роль в липидном обмене, транспорте жиров и жирных кислот в организме, и *PRLR* (prolactin receptor), участвующего в регуляции гормона пролактина, на показатели молочной продуктивности указывается в исследовании A. Bagatoli *et al.* (2021), проведенном на козах зааненской и альпийской пород. Для генотипирования авторы использовали метод PCR-RFLP, в котором мутации выявлялись по изменению рестрикционных сайтов определенных ферментов (HaeIII, SmaI, TspRI и др.). Так как точные позиции SNP или rs-идентификаторы не были представлены, полиморфизмы обозначали по названию гена и фермента. При изучении полиморфизма APOB/HaeIII было обнаружено, что животные — носители AB-генотипа имели более длительную лактацию, высокое содержание лактозы и сниженный соматический клеточный индекс в сравнении с другими генотипами. По APOB/SmaI лучшие показатели по объему удоя, содержанию белка, лактозы и жира показал AA-генотип. В гене *SLC27A6* полиморфизм SLC27A6/TspRI ассоциировали с содержанием лактозы, а полиморфизм AGPAT6/NcoI в гене *AGPAT6* связали с влиянием на содержание белка, жира и лактозы в молоке. Влияние гена *PRLR* на молочную продуктивность при использовании как фермента SmaI, так и SfcIc выявлено не было [24].

Однако в исследовании Wu Y. *et al.* (2022), проводимом на козах ляонинской породы, были идентифицированы два однонуклеотидных полиморфизма — C442T (C/T) в кодирующей последовательности гена *PRL* (prolactin) и G168061A в гене *PRLR*, которые имели достоверное влияние на показатели молочности животных. Так, животные — носители TT- и CC-генотипов в локусе PRL:C442T продемонстрировали достоверно более высокие показатели жирности, белка, уровня мочевины, азота и общего содержания сухих веществ в молоке. В локусе PRLR:G168061A животные — носители GG-генотипа имели более высокие значения белка молока в сравнении с CC- и AG-генотипами, при этом носители гетерозиготы AG отличались более высоким содержанием жира и лактозы, но сниженным уровнем белка [25].

Авторами J. Xiong *et al.* (2023) в работе, проведенной на зааненских, альпийских и нубийских козах, были идентифицированы гены, потенциально

связанные с молочной продуктивностью, такие как: *EIF4B* (eukaryotic translation initiation factor 4B) — SNP в этом гене могут влиять на инициацию трансляции, что может изменить эффективность синтеза молочных белков; *ELF5* (E74-like ETS transcription factor 5) — мутации в этом гене могут влиять на регуляцию экспрессии генов, участвующих в развитии молочных желез и синтезе молочных белков; *IGF2R* (insulin like growth factor 2 receptor); *IGFBP6* (insulin-like growth factor binding protein 6) — их полиморфизмы могут изменять связывание инсулиноподобных факторов роста, что может повлиять на рост и развитие тканей молочной железы. А также гены, связанные с молочным жиром, играющие ключевую роль в синтезе и транспорте жирных кислот: *EGFR* (epidermal growth factor receptor) — участвует в регуляции сигнальных путей, опосредованных с синтезом жирных кислот в клетках молочной железы; *ACSS2* (acetyl-CoA synthetase 2) — SNP могут изменять активность фермента, участвующего в синтезе ацетил-КоА; *DGAT2* (diacylglycerol O-acyltransferase 2) — полиморфизмы могут влиять на катализ триацилглицеридов, что может изменить содержание жира в молоке и его качество [26].

Новозеландские молочные козы представлены в основном зааненской породой и (в меньшем количестве) помесями тоггенбургской, британской альпийской и нубийской коз. В исследовании M. Scholtens *et al.* (2020) было установлено влияние SNP в генах *RNASEK* (ribonuclease K), *ASGR2* (asialoglycoprotein receptor 2), *DLG4* (discs large MAGUK scaffold protein 4), *ELP5* (elongator acetyltransferase complex subunit 5), *ALOXE3* (arachidonate epidermal lipoxygenase 3), *KIF1C* (kinesin family member 1C), *MYH10* (myosin heavy chain 10), *PTPN5* (protein tyrosine phosphatase non-receptor type 5), *LDHC* (lactate dehydrogenase C), *OR8B4* (olfactory receptor family 8 subfamily B member 4), *ZDHHC13* (zinc finger DHHC-type palmitoyltransferase 13) на показатели надоя молока, жира, белка и количество соматических клеток у новозеландских молочных коз. Большинство этих генов участвуют в регуляции синтеза белков и транспорта триглицеридов, поэтому их мутации могут напрямую влиять на проявлениях физиологических особенностей у животных [27].

Значимость влияния полиморфизмов в генах *ASGR2*, *ALOXE3* и *ALOX12* на показатели удоя, а также на морфологию вымени и сосков подтверждена в исследовании Mucha S. *et al.* (2018), выполненном на козах зааненской, тоггенбургской и альпийской пород. Большинство значимых SNP были обнаружены на 19-й хромосоме — это snp23997-scaffold244-438286 в гене *ASGR2* в положении 26150581 п. н., snp24012-scaffold244-1259949 в гене *ALOXE3* в положении 26972244 п. н., snp23995-scaffold244-354162 в гене *ALOX12* (arachidonate 12-lipoxygenase, 12S type) в положении 26066457 п. н., а также один SNP был обнаружен на 8-й хромосоме в гене *SLC1A1* (solute carrier family 1 member 1) в положении 38821852 п. н. Наибольшее влияние на объем удоя имели полиморфизмы в генах *ALOX12* и *SLC1A1.* Полиморфизмы в генах *ASGR2* и *ALOXE3* были ассоциированы с формой вымени и его глубиной [28].

Нубийская порода коз отличается высокой требовательностью к условиям содержания и более низким удоем за лактацию по сравнению с зааненской, одной из наиболее распространенных в мире. Тем не менее нубийских коз активно используют в межпородной гибридизации для улучшения молочной продуктивности потомства [29, 30]. Поиск генов-кандидатов и изучение влияния их полиморфизмов открывают новые возможности для селекционной работы [31]. Так, в работе М.И. Селионовой *и др.* (2023 г.) проводили исследование на козах нубийской породы по гену *CSN3* (casein kappa) с однонуклеотидной заменой T > C в позиции CHR6:86209207. В результате было обнаружено, что животные — носители мутантного TT-генотипа имели более высокие показатели удоя и наименьшее количество соматических клеток в молоке. Однако козы — носители гомозиготного варианта CC-генотипа превосходили других животных по показателям содержания казеина, моно-, полиненасыщенных жирных кислот и насыщенных жирных кислот, но при этом имели наибольшее содержание соматических клеток [32].

Другая работа М.И. Селионовой *и др.* (2024 г.) включает результаты исследований по влиянию полиморфизмов в генах *CSN1S1* (casein alpha S1) и *CSN1S2* (casein alpha S2) на молочную продуктивность коз нубийской породы. Животные — носители комбинации CC-генотипа по *CSN1S1* и AA-генотипа по *CSN1S2* имели достоверно большее содержание белка и насыщенных жирных кислот в молоке [33]. Изучение влияния генов на процентное содержание белка и жира, а также на изменение белковой фракции важно для технологических характеристик молока. Например, при высоких показателях αs1-казеина снижается вероятность разрыхления сычужного сгустка, но увеличивается время его свертываемости [34].

Помимо изучения влияния однонуклеотидных полиморфизмов на хозяйственно полезные признаки коз, значительно реже встречаются работы, посвященные выявлению вариаций числа копий ДНК (CNV) — одного из типов структурных изменений генома наряду с инверсиями, транслокациями и крупными делениями или дупликациями. В совместном исследовании китайских и американских ученых были идентифицированы значимые CNV в генах *ADAMTS20* (a disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 20) и *PAPPA2* (pregnancy-associated plasma protein A2), ассоциированные с содержанием жира и белка в молоке коз альпийской, зааненской, ламанчской, нубийской и тоггенбургской пород. По данным

Kang X. *et al*. (2020), наиболее достоверная ассоциация установлена для CNV в гене *ADAMTS20*, локализованной на 5-й хромосоме (36548646–36653606 п. н.), и CNV в гене *PAPPA2* — на 16-й хромосоме (56489892–56590752 п. н.) [35].

В отличие от широко распространенных и хорошо изученных зааненской, альпийской, тоггенбургской и нубийской пород, локальные породы коз с меньшей численностью реже становятся объектом геномных исследований. Тем не менее выявление потенциальных генов, ассоциированных с их продуктивностью, представляет ценность, поскольку такие данные могут быть использованы в селекционных программах для повышения хозяйственно полезных качеств животных, а также при разработке схем межпородной гибридизации.

В работе J. Zhao *et al.* (2025) приводятся данные ассоциативного поиска новых генов-кандидатов молочной продуктивности, выполненного на козах нубийской, альпийской, тоггенбургской, лаошаньской, гуаньчжунской, юньнаньской черной и других пород, разводимых в Китае. В результате исследования авторами были обнаружены 3 несинонимичные мутации — rs641134935 (T > C), rs650543261 (A > G), rs651036087 (C > T), которые локализованы в гене *LAMA3* (laminin subunit alpha 3), показавшие наиболее достоверную связь с объемом надоев. В ходе дальнейших исследований было установлено, что животные — носители гомозиготы TT по SNP rs641134935 имели более высокую молочную продуктивность. Прямое или косвенное влияние оказывали гены *MPP7* (membrane palmitoylated protein 7), *PRPF6* (pre-mRNA processing factor), *DNAJC5* (dnaJ heat shock protein family (Hsp40) member C5), *TPD52L2* (tumor protein D52-like 2), *HNF4G* (hepatocyte nuclear factor 4 gamma), *FAM13A* (family with sequence similarity 13 member A) и *EPHA5* (EPH receptor A5) [36].

Авторы M. Brzáková *et al*. (2021) указывают на значимую роль *SCD* (stearoyl-CoA desaturase), *LPL* (lipoprotein lipase), *ACACA* (acetyl-CoA carboxylase alpha), *BTN1A1* (butyrophilin subfamily 1 member A1) на показатели белка, жира, суточного удоя и содержание соматических клеток в молоке у коз чешской породы и их помесей. Полиморфизмы в генах *LPL* (G50C/rs665397241) и *SCD* (EX3_15G > A/rs155505579), локализованные на 8-й и 26-й хромосомах соответственно, были ассоциированы с содержанием жира. Все гены продемонстрировали связь с содержанием белка, но наибольшая зависимость отмечена с однонуклеотидными заменами в генах *BTN1A1* (g. 599A > G) и *LPL* (g. 185G > T). При этом два SNP были связаны с показателями суточного надоя, а именно g. 1322T > C в гене *ACACA* и g. 300G > A в гене *LPL* Была установлена связь полиморфизма g. 599A > G в гене *BTN1A1* с наибольшим количеством соматических клеток в молоке [37].

Помимо положительного влияния генов-кандидатов на продуктивные признаки молочных коз, важно учитывать их взаимное ингибирующее действие. В статье M. Ni *et al*. (2025) впервые была изучена роль гена *BDH1* (3-hydroxybutyrate dehydrogenase 1) в регуляции синтеза молочного жира и кетоновых тел в эпителиальных клетках молочной железы у коз. Переэкспрессия гена *BDH1* снижает работу генов, связанных с липидным метаболизмом (*SREBF1* (sterol regulatory element binding transcription factor 1) и *GPAM* (glycerol-3-phosphate acyltransferase, mitochondrial)), и уменьшает уровни миристиновой (C14:0) и гептадеценовой (C17:1) жирных кислот, но при этом увеличивает экспрессию *FABP3* (fatty acid binding protein 3, muscle and heart) и концентрацию каприновой (C10:0). При подавлении *BDH1* наблюдается увеличение экспрессии *SREBF1* и *GPAM*, а также повышение концентраций миристиновой (C14:0), пентадеценовой (C15:1) и гадолеиновой (C20:1) жирных кислот, однако при этом снижается экспрессия *FABP3* и стеариновой жирной кислоты (C18:0) [38].

В исследованиях В.И. Трухачева *и др.* (2023 г.) приводятся данные по поиску генов-кандидатов, ассоциированных с показателями молочной продуктивности карачаевской породы коз. Всего были обнаружены 34 полногеномных и 113 суггестивных SNP, связанных с параметрами молока карачаевских коз. Наиболее значимые полиморфизмы находились на 2-й, 8-й, 10-й, 13-й, 16-й, 23-й, 25–27-й хромосомах в генах *ADRA1A* (α1A adrenoreceptor), *DPYSL2* (dihydropyrimidinase like 2), *NKX3-1* (NK3 homeobox 1), *NKX2-6* (NK2 homeobox 6), *TNN* (tenascin N), *ABCA3* (ATP binding cassette subfamily A member 3), *ODAD2* (outer dynein arm docking complex subunit 2), *CASP7* (caspase 7), *HABP2* (hyaluronan binding protein 2), *PHACTR1* (phosphatase and actin regulator 1), *MFHAS1* (multifunctional ROCO family signaling regulator 1), *FMO2* (flavin containing dimethylaniline monooxygenase 2), *ECI1* (enoyl-CoA delta isomerase 1), *FMO1* (flavin containing dimethylaniline monooxygenase 1), *BAG2* (BCL2-associated athanogene 2), *PGP* (phosphoglycolate phosphatase), *AMDHD2* (amidohydrolase domain containing 2) и *PDZD8* (PDZ domain containing 8). Дополнительно были отмечены гены *METTL8* (methyltransferase 8), *STC1* (stanniocalcin 1), *PDPK1* (3-phosphoinositide dependent protein kinase 1), *AGTPBP1* (ATP/GTP binding protein 1), *NRAP* (nebulin related anchoring protein). Данные гены вовлечены в механизмы формирования физиологических особенностей, метаболизма, нервной регуляции и процесса ангиогенеза. Авторы указывают, что влияние полиморфизмов snp997-scaffold1026-378556, snp43681-scaffold585-2255525 и snp33285-scaffold391-913110, расположенных на 8-й хромосоме в позициях 70684382 п. н, 78496104 п. н и 6144247 п. н., соответственно, было значимым для показателей массовой доли белка, лактозы, массовой доли жира и насыщенных жирных кислот. На 2-й хромосоме были выявлены три

значимых SNP — snp18646-scaffold1882-539299, snp8325-scaffold130-2860751 и snp8326-scaffold 130-2909971 в позициях 111052769 п. н., 6443953 п. н. и 6394722 п. н., соответственно, ассоциированных с показателями сухого вещества, насыщенных жирных кислот, массовой доли белка и содержания казеина [39].

В другом исследовании, проводимом на козах карачаевской породы, авторами M. Selionova *et al.* (2024) были выявлены 66 значимых генов-кандидатов на 15 хромосомах, функции которых связаны с содержанием белка β-казеина, жира, составом жирных кислот, концентрацией ацетона, β-гидроксибутирата натрия и мочевины в молоке. Наибольшую значимость продемонстрировали гены: *INSIG1* (insulin induced gene 1) с SNP snp1935-scaffold1053-1528396 на 4-й хромосоме и *FUT8* (fucosyltransferase 8) на 10-й хромосоме, ассоциированные с жирностью и составом жирных кислот; *ATF2* (activating transcription factor 2) и *SULT2B1* (sulfotransferase family 2B member 1) на 2-й и 18-й хромосомах, соответственно, показавшие связь с содержанием ацетона, β-гидроксибутирата натрия и мочевины. В исследовании были упомянуты гены, описанные ранее В.И. Трухачевым *и др.* (2023 г.): *DPYSL2*, связанный с содержанием белка и β-казеина, *ECI1*, *PGP*, *FMO2*, и *PHACTR1*, влияющие на жирность молока и состав жирных кислот [39, 40].

Дамасская коза является важной породой для молочного производства, особенно в регионах с жарким и засушливым климатом (например, таким, как в Сирии, Ливии, Турции, Иране). В статье турецких авторов Yakan A. *et al.* (2018) были исследованы экспрессия и потенциальная функциональная значимость шести генов-кандидатов у дамасских коз, связанных с устойчивостью к маститу, удою и качеством молока в двух типах кормления — пастбищном и загонном. Полученные данные свидетельствовали о значимости гена *LTF* (lactoferrin) в качестве кандидата на роль маркера устойчивости к маститу, его экспрессия повысилась более чем в 3 раза на 7-м месяце лактации, ген *LTF* напрямую регулирует выработку лактоферина, который обладает антимикробными, антивирусными и антигрибковыми свойствами, а также ингибирует провоспалительные цитокины. Экспрессия *CSN2* (casein beta) повышалась на 7-м месяце лактации и имела корреляционную зависимость с содержанием β-казеина в молоке, но при этом общий показатель белка не изменялся. Ген *IGF-1* (insulin-like growth factor 1) показал повышение экспрессии в 3-м и 5-м месяцах лактации, что сопрягалось с увеличением объема удоя молока. В данном исследовании в отношении генов *POU1F1* (POU class 1 homeobox 1) и *BRCA1* (breast cancer type 1 susceptibility protein), которые могли бы служить маркерами устойчивости к маститу, не было обнаружено достоверного влияния на показатели молочной продуктивности [41].

В совокупности проведенные исследования охватывают широкий спектр генов-кандидатов, связанных с молочной продуктивностью коз.

В таблице 1 систематизированы сведения обо всех генах, упомянутых в литературе, включая их принадлежность к основным биологическим процессам согласно Gene Ontology (GO).

Таблица 1. **Обобщение данных о генах-кандидатах молочной продуктивности коз**
Table 1. **Summary of data on candidate genes for milk production in goats**

Ген	Полное название	Локализация (Chr:pos)	Функция	GO	Породы, где исследовался	Источник
1	2	3	4	5	6	7
ABCA3	ATP binding cassette subfamily A member 3	25:1701870–1743075	Транспортер липидов, участие в формировании сурфактанта	GO:0042626 — АТФ-зависимый транспорт	карачаевская	[39]
ACACA	Acetyl-CoA carboxylase alpha	19:13063977–13351894	Ацетил-КоА-карбоксилаза, ключевой фермент липогенеза	GO:0006633 — метаболизм жирных кислот	чешская	[37]
ACSS2	Acetyl-CoA synthetase 2	13:63760207–63804609	Активация ацетата, преобразование ацетил-КоА	GO:0003987 — ацетил-КоА синтетазная активность	зааненская, альпийская, нубийская	[26]
ADAMTS20	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 20	5:36409817–36611393	Ремоделирование внеклеточного матрикса, влияет на развитие молочной железы	GO:0004222 — металлопротеазная активность; GO:0030198 — организация внеклеточного матрикса	зааненская, альпийская, ламанчская, нубийская, тоггенбургская	[35]
ADRA1A	Acetyl-CoA synthetase 2	8:73747397–73862840	Передача сигналов адреналина и норадреналина	GO:0004935 — α1-адренорецепторная активность	карачаевская	[39]
AGPAT6	1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase 6	27:9070924–9101551	Ацилтрансфераза — ключевой фермент синтеза триглицеридов и фосфолипидов	GO:0006633 — метаболизм жирных кислот; GO:0008610 — биосинтез липидов	зааненская, альпийская	[24]
AGTPBP1	ATP/GTP Binding Protein 1	8:78600749–78791306	Регуляция микротрубочек, нейрональные функции	GO:0006508 — протеолиз	карачаевская	[39]
ALOX12	Arachidonate 12-lipoxygenase, 12S type	19:26593234–26607391	Метаболизм арахидоновой кислоты, воспаление	GO:0004051 — липоксигеназная активность	зааненская, альпийская, тоггенбургская	[28]
ALOXE3	Arachidonate epidermal lipoxygenase 3	19:27475881–27496573	Эпидермальная дифференцировка, липидный метаболизм	GO:0004051 — липоксигеназная активность	зааненская, альпийская, тоггенбургская	[27, 28]

(Продолжение табл. 1)

1	2	3	4	5	6	7
AMDHD2	Amidohydrolase domain containing 2	25:1915270–1921956	Метаболизм гистидина и амидов	GO:0016810 — гидролазная активность	карачаевская	[39]
APOB	Apolipoprotein B	11:77590208–77630122	Аполипопротеин B — перенос липидов в составе ЛПНП, влияет на состав молока	GO:0006869 — транспорт липидов; GO:0006629 — липидный метаболизм	зааненская, альпийская	[24]
ASGR2	Asialoglycoprotein receptor 2	19:26661010–26671789	Очистка крови от гликопротеинов печени	GO:0009986 — рецептор-опосредованный эндоцитоз	новозеландские, зааненская, альпийская, тоггенбургская	[27, 28]
ATF2	Activating transcription factor 2	2:114518050–114597771	Транскрипционный фактор, регулирует стресс-ответ и метаболизм	GO:0006355 — регуляция транскрипции; GO:0031328 — отрицательная регуляция транскрипции	карачаевская	[40]
BAG2	BCL2-associated athanogene 2	23:45658115–45668381	Ко-шаперон Hsp70/Hsc70, защита белков от деградации	GO:0031072 — связывание Hsp70	карачаевская	[39]
BDH1	3-hydroxybutyrate dehydrogenase 1	1:71702243–71739306	Метаболизм кетоновых тел и липидов	GO:0004396 — 3-гидроксибутиратдегидрогеназная активность; GO:0046951 — катаболизм кетоновых тел	зааненская	[38]
BRCA1	Breast cancer type 1 susceptibility protein	19:42742613–42809204	Репарация ДНК, регуляция клеточного цикла, может влиять на устойчивость к маститу	GO:0005515 — связывание белка; GO:0006281 — репарация ДНК	дамасская	[41]
BTN1A1	Butyrophilin subfamily 1 member A1	23:18384020–18391213	Регуляция формирования жировых глобул молока	GO:0016021 — интегральный компонент мембраны	чешская	[37]
CASP7	Caspase 7	26:17808414–17850585	Апоптоз и воспалительный ответ	GO:0006915 — апоптоз; GO:0004197 — цистеин-протеазная активность	карачаевская	[39]
CSN1S1	Casein alpha S1	6:85978463–85995270	Кодирует αs1-казеин, влияет на содержание белка и качество сыропригодности молока	GO:0007595 — свертывание молока; GO:0006412 — трансляция	нубийская зааненская, альпийская	[33]
CSN1S2	Casein alpha S2	6:86076845–86093539	Кодирует αs2-казеин; участвует в формировании белковой фракции молока	GO:0007595 — свертывание молока	нубийская	[33]
CSN2	Casein beta	6:86006250–86015321	Кодирует β-казеин, влияет на белковую фракцию и свертываемость молока	GO:0007595 — свертывание молока	дамасская, зааненская	[41]
CSN3	Casein kappa	6:86197263–86211376	Кодирует κ-казеин, ключевой для свертывания молока и структуры мицелл	GO:0007595 — свертывание молока	нубийская, зааненская	[32]
DGAT1	Diacylglycerol O-acyltransferase 1	14:81329989–81338811	Кодирование фермента синтеза триглицеридов, влияет на жирность молока	GO:0019432 — триацилглицеридный биосинтез	зааненская, альпийская	[21, 22]
DGAT2	Diacylglycerol O-acyltransferase 2	15:27720879–27753736	Аналогично *DGAT1*, катализ липидов	GO:0019432 — триацилглицеридный биосинтез	зааненская, альпийская, нубийская	[26]
DLG4	Discs large MAGUK scaffold protein 4	19:26720687–26743872	Участие в формировании синаптических комплексов	GO:0007268 — синаптическая передача	новозеландские	[27]
DNAJC5	DnaJ heat shock protein family (Hsp40) member C5	13:53228440–53257795	Шаперон; участие в регуляции экзоцитоза в нейронах	GO:0031072 — связывание белков теплового шока; GO:0006887 — транспорт везикул	нубийская, альпийская, тоггенбургская, лаошаньская, гуаньчжунская, юньнаньская	[36]
DPYSL2	Dihydropyrimidinase like 2	8:73547764–73663711	Регуляция роста аксонов, нейрональной дифференцировки	GO:0007010 — организация цитоскелета; GO:0042995 — клеточная морфогенез	карачаевская	[39, 40]
ECI1	Enoyl-CoA delta isomerase 1	25:1672290–1685556	Фермент β-окисления ненасыщенных жирных кислот	GO:0006631 — метаболизм жирных кислот	карачаевская	[39, 40]
EGFR	Epidermal growth factor receptor	22:769419–982124	Рецептор эпидермального фактора роста — регуляция пролиферации клеток молочной железы	GO:0007169 — трансдукция сигнала; GO:0008283 — регуляция клеточной пролиферации	зааненская, альпийская, нубийская	[26]
EIF4B	eukaryotic translation initiation factor 4B	5:26654208–26680138	Стимуляция связывания рибосомы и мРНК	GO:0003746 — фактор инициации трансляции; GO:0006412 — трансляция мРНК	зааненская, альпийская, нубийская	[26]
ELF5	E74-like ETS transcription factor 5	15:17861190–17911966	ETS-транскрипционный фактор, контролирует развитие молочной железы и синтез молочных белков	GO:0006355 — регуляция транскрипции; GO:0045893 — положительная регуляция транскрипции	зааненская, альпийская, нубийская	[26]

(Продолжение табл. 1)

1	2	3	4	5	6	7
EPHA5	EPH receptor A5	15:17861190–17911966	Рецептор тирозинкиназы; участие в формировании нейронных сетей	GO:0005003 — рецепторная тирозинкиназная активность; GO:0048013 — сигнальный путь рецептора эферина	нубийская, альпийская, тоггенбургская, лаошаньская, гуаньчжунская, юньнаньская	[36]
FABP3	Fatty acid binding protein 3, muscle and heart	2:13664760–13673332	Белок связывания жирных кислот, регулирует транспорт и метаболизм	GO:0006869 — транспорт липидов	зааненская	[38]
FAM13A	Family with sequence similarity 13 member A	6:36209182–36551226	Регулятор сигнальных путей Wnt и Rho; ассоциирован с метаболизмом жиров и дыхательной функцией	GO:0005525 — GTP-связывающая активность; GO:0007165 — сигнализация через белки	нубийская, альпийская, тоггенбургская, лаошаньская, гуаньчжунская, юньнаньская	[36]
FMO1	Flavin containing dimethylaniline monooxygenase 1	16:37336303–37376884	Катализ окисления ксенобиотиков и эндогенных субстратов	GO:0006629 — липидный метаболизм	карачаевская	[39]
FMO2	Flavin containing dimethylaniline monooxygenase 2	16:37286455–37330116	Метаболизм лекарственных соединений и аминов	GO:0004499 — монооксигеназная активность; GO:0005506 — связывание кислорода	карачаевская	[39, 40]
FUT8	Fucosyltransferase 8	10:25310706–25629694	Фукозилтрансфераза, влияет на гликозилирование белков молочной железы	GO:0000030 — активность фукозилтрансферазы; GO:0006486 — гликозилирование белков	карачаевская	[40]
GJB5	Gap junction protein beta 5	3:9888966–9892241	Белок межклеточных контактов, влияет на координацию клеточной активности в молочной железе	GO:0005921 — щелевые контакты; GO:0015267 — активность канала	зааненская	[19]
GPAM	Glycerol-3-phosphate acyltransferase, mitochondrial	26:19247024–19317263	Синтез триглицеридов; начальная стадия глицерофосфолипидного пути	GO:0006633 — метаболизм жирных кислот	зааненская	[38]
HABP2	Hyaluronan binding protein 2	26:17935249–17970574	Протеаза, участвующая в фибринолизе и ангиогенезе	GO:0001501 — регуляция образования коллагена; GO:0004252 — серин-протеазная активность	карачаевская	[39]
HNF4G	Hepatocyte nuclear factor 4 gamma	14:43256972–43393984	Транскрипционный фактор; регуляция метаболизма липидов и углеводов	GO:0043565 — регуляция транскрипции	нубийская, альпийская, тоггенбургская, лаошаньская, гуаньчжунская, юньнаньская	[36]
IGF-1	Insulin-like growth factor 1	5:64862983–64943172	Регуляция роста, пролиферации и дифференцировки клеток	GO:0008083 — рост клеток; GO:0005179 — связывание гормонов	дамасская	[41]
IGF2R	Insulin like growth factor 2 receptor	9:83501097–83604791	Транспорт IGF2, участие в деградации лизосомальных ферментов	GO:0005520 — связывание IGF; GO:0048009 — сигналинг IGF	зааненская, альпийская, нубийская	[26]
IGFBP6	Insulin-like growth factor binding protein 6	5:26609942–26613572	Белок-связыватель IGF — регуляция биодоступности IGF	GO:0005520 — связывание IGF; GO:0031994 — регуляция IGF сигнального пути	зааненская, альпийская, нубийская	[26]
INSIG1	Insulin induced gene 1	4:2747017–2757803	Регуляция липидного обмена, влияет на жирность молока	GO:0006633 — метаболизм жирных кислот; GO:0033504 — регуляция биосинтеза липидов	карачаевская	[40]
KIF1C	Kinesin family member 1C	19:26195926–26217805	Моторный белок, участвующий во внутриклеточном транспорте везикул	GO:0003777 — моторная активность (микротрубочки); GO:0007018 — движение микротрубочек	новозеландские	[27]
KTN1	Kinectin 1	10:35112081–35217880	Белок-якорь для кинезинов; регуляция эндоплазматического транспорта	GO:0007017 — организация микротрубочек; GO:0046907 — транспорт внутри клетки	зааненская	[19]
LAMA3	Laminin subunit alpha 3	24:33026004–33281542	Компонент внеклеточного матрикса, влияет на прикрепление и развитие клеток молочной железы	GO:0005201 — связывание внеклеточного матрикса; GO:0030198 — организация внеклеточного матрикса	нубийская, альпийская, тоггенбургская, лаошаньская, гуаньчжунская, юньнаньская черная	[36]
LDHC	Lactate dehydrogenase C	29:25639944–25680453	Фермент гликолиза, специфичный для половых клеток	GO:0004459 — лактатдегидрогеназная активность; GO:0006096 — гликолиз	новозеландские	[27]
LPL	Lipoprotein lipase	8:66597910–66623251	Липопротеинлипаза; гидролиз триглицеридов, влияет на жирность молока	GO:0006629 — липидный метаболизм	чешская зааненская	[37]
LTF	Lactoferrin	22:52976995–53007415	Лактоферрин, антибактериальная защита, устойчивость к маститу	GO:0005615 — внеклеточное пространство; GO:0042742 — защита от бактерий	дамасская	[41]

(Продолжение табл. 1)

1	2	3	4	5	6	7
METTL8	Methyltransferase 8	2:111185392–111270066	Потенциальный РНК-метилтрансферазный фермент	GO:0008168 — метилтрансферазная активность; GO:0032259 — метилирование	карачаевская	[39]
MFHAS1	Multifunctional ROCO family signaling regulator 1	27:20648690–20757838	Белоксигнальный регулятор, участвует в иммунном ответе	GO:0005515 — связывание белков; GO:0035556 — внутриклеточная сигнализация	карачаевская	[39]
MPP7	Membrane palmitoylated protein 7	13:35681595–35915475	Участие в формировании полярности клеток (комплекс Crumbs) и адгезии	GO:0007160 — клеточная адгезия; GO:0035088 — установление полярности клеток	нубийская, альпийская, тоггенбургская, лаошаньская, гуаньчжунская, юньнаньская черная	[36]
MYH10	Myosin heavy chain 10	19:27799562–27921178	Цитоскелетный моторный белок; миграция клеток	GO:0003779 — актиновая моторная активность; GO:0030048 — актиновый цитоскелет	новозеландские	[27]
NAV3	Neuron navigator 3	5:6848221–7467243	Регуляция роста аксонов и клеточной миграции, косвенно влияет на развитие тканей	GO:0007010 — организация цитоскелета; GO:0048812 — развитие нейронов	зааненская	[19]
NKX2-6	NK2 homeobox 6	8:70639383–70643794	Транскрипционный фактор, регуляция развития сердца	GO:0003700 — транскрипционный фактор; GO:0007420 — развитие сердца	карачаевская	[39]
NKX3-1	NK3 homeobox 1	8:70600953–70606837	Транскрипционный фактор, необходим для развития предстательной железы	GO:0003700 — транскрипционный фактор; GO:0045893 — регуляция транскрипции	карачаевская	[39]
NRAP	Nebulin related anchoring protein	26:17860274–17935987	Структурный белок, участвующий в организации миофибрилл	GO:0030018 — саркомер; GO:0051015 — связывание актина	карачаевская	[39]
ODAD2	Outer dynein arm docking complex subunit 2	13:35971967–36143096	Участие в сборке жгутиков и ресничек	GO:0007018 — движение микротрубочек	карачаевская	[39]
OR8B4	Olfactory receptor family 8 subfamily B member 4	29:27124077–27125024	Обонятельный рецептор, GPCR	GO:0004930 — обонятельный рецептор; GO:0007608 — восприятие запахов	новозеландские	[27]
PAPPA2	Pregnancy-associated plasma protein A2	16:56247922–56577694	Протеаза, регулирующая IGF-систему, влияет на рост и лактацию	GO:0004222 — металлопротеазная активность; GO:0006508 — протеолиз	зааненская, альпийская, ламанчская, нубийская, тоггенбургская	[35]
PDPK1	3-phosphoinositide dependent protein kinase 1	25:1932902–1996678	Регулятор клеточного метаболизма	GO:0004674 — протеинкиназная активность; GO:0016310 — фосфорилирование	карачаевская	[39]
PDZD8	PDZ domain containing 8	26:14290884–14368219	Связь ЭПР и митохондрий; регуляция кальция	GO:0005515 — связывание белков	карачаевская	[39]
PGP	Phosphoglycolate phosphatase	25:1649864–1652731	Фермент гликолиза; удаление фосфогликолата	GO:0052725 — фосфогликолат фосфатазная активность; GO:0008152 — метаболизм	карачаевская	[39, 40]
PHACTR1	Phosphatase and actin regulator 1	23:6556030–7073500	Регуляция актинового цитоскелета и сосудистой функции	GO:0004721 — фосфатазная активность	карачаевская	[39, 40]
PKN2	Protein kinase N2	3:65991819–66133902	Серин/треонин-киназа, регулирует цитоскелет и морфогенез	GO:0004674 — активность протеинкиназы; GO:0030036 — организация актинового цитоскелета	зааненская	[19]
POU1F1	POU class 1 homeobox 1	1:34235896–34251973	Транскрипционный фактор гипофиза, регуляция гормона роста, пролактина	GO:0003700 — транскрипционный фактор; GO:0008283 — регуляция роста клеток	дамасская	[41]
PPARG	Peroxisome proliferator-activated receptor gamma	22:56681415–56726563	Ядерный рецептор, контролирует адипогенез, метаболизм липидов и углеводов	GO:0003707 — активность ядерного рецептора; GO:0006631 — катаболизм жирных кислот	зааненская, альпийская	[23]
PRL	Prolactin	23:32548836–32559022	Пролактин — гормон, регулирующий лактацию	GO:0007595 — лактация	ляонинская	[25]
PRLR	Prolactin receptor	20:38891738–39090307	Рецептор пролактина — передача сигнала гормона	GO:0007165 — трансдукция сигнала	ляонинская, зааненская, альпийская	[24, 25]
PRPF6	pre-mRNA processing factor	13:53156897–53192582	Сплайсосомный белок	GO:0005681 — сплайсосома; GO:0006397 — процессинг мРНК	нубийская, альпийская, тоггенбургская, лаошаньская, гуаньчжунская, юньнаньская черная	[36]

(Продолжение табл. 1)

1	2	3	4	5	6	7
PTPN5	Protein tyrosine phosphatase non-receptor type 5	29:25364835–25423326	Фосфатаза нервной ткани	GO:0004725 — белковая тирозинфосфатазная активность; GO:0007165 — внутриклеточная сигнализация	новозеландские	[27]
RNASEK	Ribonuclease K	19:26609172–26610915	Участие в эндоцитозе и вирусном проникновении	GO:0004521 — рибонуклеазная активность; GO:0006396 — процессинг РНК	новозеландские	[27]
SCD	Stearoyl-CoA desaturase	26:30404780–30415917	Регуляция синтеза мононенасыщенных жирных кислот	GO:0006633 — метаболизм жирных кислот	чешская, зааненская	[37]
SCIMP	SLP adaptor and CSK interacting membrane protein	19:26087736–26108683	Трансмембранный адаптер иммунных клеток	GO:0030215 — адапторная активность; GO:0007165 — передача сигнала	зааненская	[20]
SLC1A1	Solute carrier family 1 member 1	8:38718359–38824726	Транспорт глутамата	GO:0005325 — транспорт глутамата; GO:0016021 — мембранный белок	зааненская, альпийская, тоггенбургская	[28]
SLC27A6	Solute carrier family 27 member 6	7:21449491–21520669	Транспортер длинноцепочечных жирных кислот	GO:0015909 — транспорт длинноцепочечных жирных кислот	зааненская, альпийская	[24]
SREBF1	Sterol regulatory element binding transcription factor 1	19:34288792–34295549	Транскрипционный фактор, регулирует биосинтез жирных кислот и холестерина	GO:0006355 — регуляция транскрипции ДНК-зависимой; GO:0008610 — биосинтез липидов	зааненская	[38]
STC1	Stanniocalcin 1	8:70791218–70806076	Регуляция кальциевого обмена и метаболизма	GO:0006874 — транспорт кальция; GO:0001501 — развитие скелета	карачаевская	[39]
SULT2B1	Sulfotransferase family 2B member 1	18:56239547–56275810	Метаболизм липидов и стероидов, влияет на кетоновые тела	GO:0008146 — активность сульфотрансферазы; GO:0008202 — метаболизм стероидов	карачаевская	[40]
TNN	Tenascin N	16:54831011–54903426	Белок внеклеточного матрикса, регулирует взаимодействие клеток и тканей	GO:0005201 — связывание внеклеточного матрикса; GO:0030198 — организация внеклеточного матрикса	карачаевская	[39]
TPD52L2	Tumor protein D52-like 2	13:53261672–53277835	Участие в везикулярном транспорте и делении клеток	GO:0006886 — транспорт белков; GO:0005515 — связывание белков	нубийская, альпийская, тоггенбургская, лаошаньская, гуаньчжунская, юньнаньская черная	[36]
UCP2	Uncoupling protein 2	15:29614181–29620958	Кодирование белка разобщающего митохондрий, регуляция энергетического обмена	GO:0006119 — окислительное фосфорилирование	зааненская, альпийская	[23]
ZDHHC13	Zinc finger DHHC-type palmitoyltransferase 13	29:25156799–25209022	Палмитоилтрансфераза; посттрансляционные модификации белков	GO:0006497 — белковое липидирование	новозеландские	[27]
ZNF16	Zinc finger protein 16	14:81663127–81679347	Транскрипционный регулятор	GO:0003700 — транскрипционный фактор	зааненская, альпийская	[21]
ZNF34	Zinc finger protein 34	14:81621210–81628144	Транскрипционный регулятор	GO:0003700 — транскрипционный фактор	зааненская, альпийская	[21]
ZNF232	Zinc finger protein 232	19:26138906–26143624	Транскрипционный регулятор	GO:0003700 — транскрипционный фактор	зааненская	[20]
ZNF250	Zinc finger protein 250	14:81683613–81693822	Транскрипционный регулятор	GO:0003700 — транскрипционный фактор	зааненская, альпийская	[21]

Примечание: данные о локализации генов приведены согласно базе данных NCBI (Genome Data Viewer, сборка ARS1, GCF_001704415.1 для Capra hircus).

Таким образом, проведенный анализ отражает широкий и разноплановый набор генов, ассоциированных с показателями молочной продуктивности коз по данным современных исследований.

Обобщение сведений показывает, что в формирование молочной продуктивности вовлечены не только классические гены белков молока (семейство казеинов), но и гены, связанные с регуляцией липидного и энергетического обмена, гормональной регуляцией, ростом и развитием тканей молочной железы, а также иммунным ответом. Это подтверждает многофакторный характер генетической регуляции удоя, состава молока и устойчивости животных к заболеваниям.

Выводы/Conclusions

Современные исследования, охватывающие широкий спектр пород молочных коз, позволили выявить многочисленные гены-кандидаты, ассоциированные с продуктивными признаками, включая удой, состав и качество молока, а также морфологические особенности вымени.

Установлены связи между конкретными однонуклеотидными полиморфизмами и такими показателями, как содержание белка, жира, лактозы, казеина, и уровнем соматических клеток.

Особый интерес представляют не только SNP, но и структурные вариации, такие как вариации числа копий (CNV), а также уровень экспрессии отдельных генов в тканях молочной железы.

Полученные данные подчеркивают ключевую роль генетических механизмов в формировании физиологических и продуктивных характеристик животных.

Практическая значимость проведенного анализа заключается в том, что использование молекулярно-генетических маркеров открывает возможности для селекции высокопродуктивных животных, повышения эффективности молочного козоводства и улучшения качества продукции.

Наибольший интерес представляют гены казеинового комплекса (*CSN1S1*, *CSN1S2*, *CSN2*, *CSN3*), регулирующие состав и технологические свойства молока, а также гены липидного обмена (*DGAT1*, *DGAT2*, *SCD*, *LPL*, *ACACA*), влияющие на жирность и жирнокислотный профиль.

Существенную роль играют регуляторы эндокринной системы лактации (*PRL*, *PRLR*, *IGF1*, *PPARG*, *UCP2*), маркеры устойчивости к маститу (*LTF*), а также структурные варианты, такие как CNV в генах *ADAMTS20* и *PAPPA2*. Данные гены и их полиморфизмы отражают ключевые направления формирования продуктивности — удой, состав и технологические характеристики молока, устойчивость животных к заболеваниям. Их применение наиболее актуально для отечественного козоводства, поскольку они изучены на породах, разводимых в России, могут быть генотипированы с использованием доступных молекулярных методов, а также обеспечат возможность для ускоренного генетического прогресса в условиях импортозамещения.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу.
Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат.
Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data.
All authors made an equal contribution to the work.
The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism.
The authors declare no conflict of interest.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Zeder M.A., Hesse B. The initial domestication of goats (*Capra hircus*) in the Zagros Mountains 10,000 years ago. *Science*. 2000; 287(5461): 2254–2257. https://doi.org/10.1126/science.287.5461.2254

2. Захарова И.Н., Пупыкина В.В. Исторические аспекты применения козьего молока как продукта питания для детей раннего возраста. *Педиатрия. Consilium Medicum*. 2024; (2): 145–151. https://doi.org/10.26442/26586630.2024.2.202936

3. Селионова М.И., Трухачев В.И., Айбазов А.-М.М., Столповский Ю.А., Зиновьева Н.А. Генетические маркеры в козоводстве (обзор). *Сельскохозяйственная биология*. 2021; 56(6): 1031–1048. https://doi.org/10.15389/agrobiology.2021.6.1031rus

4. Wan X., Jing J.-N., Wang D.-F., Lv F.-H. Whole-genome selective scans detect genes associated with important phenotypic traits in goat (*Capra hircus*). *Frontiers in Genetics*. 2023; 14: 1173017. https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1173017

5. Воронина О.А., Колесник Н.С., Савина А.А., Рыков Р.А., Зайцев С.Ю. Антиоксидантная активность козьего молока с вариантами множественной регрессионной модели. *Аграрная наука*. 2024; (1): 81–85. https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-378-1-81-85

6. Sonu K.S., Basavaprabhu H.N. Compositional and therapeutic signatures of goat milk: A review. *International Journal of Chemical Studies*. 2020; 8(2): 1013–1019. https://doi.org/10.22271/chemi.2020.v8.i2p.8902

7. Карпова Е.Д., Суров А.И., Евлагина Д.Д., Галанова Е.С., Степаненко В.А., Алимова В.Р. Состояние козоводства в мире и пути увеличения молочной продукции коз (обзор). *Овцы, козы, шерстяное дело*. 2024; (4): 24–29. https://doi.org/10.26897/2074-0840-2024-4-24-29

8. Ерохин А.И., Карасев Е.А., Ерохин С.А. Динамика поголовья коз и производства козьего молока и мяса в мире и России. *Овцы, козы, шерстяное дело*. 2020; (4): 22–25. https://doi.org/10.26897/2074-0840-2020-4-22-25

9. Амерханов Х.А. (рук.). Овцеводство и козоводство Российской Федерации в цифрах. Справочник. *Ставрополь: Национальный союз овцеводов*. 2024; 120.

10. Кручинин А.Г., Бигаева А.В., Туровская С.Н., Илларионова Е.Е. Сравнение полиморфизма генов молочных белков козьего и овечьего молока: мировой опыт. *Пищевая промышленность*. 2020; (8): 36–40. https://elibrary.ru/senomh

REFERENCES

1. Zeder M.A., Hesse B. The initial domestication of goats (*Capra hircus*) in the Zagros Mountains 10,000 years ago. *Science*. 2000; 287(5461): 2254–2257. https://doi.org/10.1126/science.287.5461.2254

2. Zakharova I.N., Pupykina V.V. Historical aspects of the use of goat's milk as a food product for young children: a review. *Pediatrics. Consilium Medicum*. 2024; (2): 145–151 (in Russian). https://doi.org/10.26442/26586630.2024.2.202936

3. Selionova M.I., Trukhachev V.I., Aybazov A.-M.M., Stolpovsky Yu.A., Zinovieva N.A. Genetic markers of goats (review). *Agricultural biology*. 2021; 56(6): 1031–1048. https://doi.org/10.15389/agrobiology.2021.6.1031eng

4. Wan X., Jing J.-N., Wang D.-F., Lv F.-H. Whole-genome selective scans detect genes associated with important phenotypic traits in goat (*Capra hircus*). *Frontiers in Genetics*. 2023; 14: 1173017. https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1173017

5. Voronina O.A., Kolesnik N.S., Savina A.A., Rykov R.A., Zaitsev S.Yu. Antioxidant activity of goat›s milk with variants of multiple regression model. *Agrarian science*. 2024; (1): 81–85 (in Russian). https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-378-1-81-85

6. Sonu K.S., Basavaprabhu H.N. Compositional and therapeutic signatures of goat milk: A review. *International Journal of Chemical Studies*. 2020; 8(2): 1013–1019. https://doi.org/10.22271/chemi.2020.v8.i2p.8902

7. Karpova E.D., Surov A.I., Elagina D.D., Galanova E.S., Stepanenko V.A., Alimova V.R. The state of goat breeding in the world and ways to increase dairy production of goats (review). *Sheep, goats, wool business*. 2024; (4): 24–29 (in Russian). https://doi.org/10.26897/2074-0840-2024-4-24-29

8. Erokhin A.I., Karasev E.A., Erokhin S.A. Dynamics of goat population and production goat's milk and meat in the world and in Russia. *Sheep, goats, wool business*. 2020; (4): 22–25 (in Russian). https://doi.org/10.26897/2074-0840-2020-4-22-25

9. Amerkhanov Kh.A. (coord.). Sheep and goat breeding in the Russian Federation in figures. Reference book. *Stavropol*: *National Union of Sheep Breeders*. 2024; 120 (in Russian).

10. Kruchinin A.G., Bigaeva A.V., Turovskaya S.N., Illarionova E.E. Comparing gene polymorphism of goat and sheep milk proteins: global experience. *Food processing industry*. 2020; (8): 36–40 (in Russian). https://elibrary.ru/senomh

11. Санников М.Ю. *и др.* Современные технологии в молочном козоводстве. *Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии*. 2019; (6): 141–149.
https://elibrary.ru/yskfkj

12. Zonaed Siddiki A.M.A.M. *et al.* Goat Genomic Resources: The Search for Genes Associated with Its Economic Traits. *International Journal of Genomics*. 2020; 2020: 5940205.
https://doi.org/10.1155/2020/5940205

13. Федорова Е.Г., Смолин С.Г. Влияние генотипических и паратипических факторов на качество и свойства молока коровьего сырого для отрасли сыроделия. *Вестник КрасГАУ.* 2022; (2): 157–163.
https://doi.org/10.36718/1819-4036-2022-2-157-163

14. Криворучко А.Ю., Егорова Т.Ю., Зуев Р.В. Полногеномный поиск ассоциаций как перспективный метод в животноводческой отрасли (обзор). *Сельскохозяйственный журнал*. 2024; (4): 84–97.
https://elibrary.ru/njsdph

15. Мирошина Т.А., Чалова Н.А. Состояние молочного козоводства в России и мире (обзор). *Вестник КрасГАУ.* 2022; (10): 123–130.
https://doi.org/10.36718/1819-4036-2022-10-123-130

16. Карпова Е.Д., Суров А.И., Алимова В.Р., Фирсова А.М. Динамика численности коз зааненской породы в Российской Федерации и их молочная продуктивность. *Сельскохозяйственный журнал*. 2024; (4); 54–63.
https://elibrary.ru/bojadu

17. Денискова Т.Е. *и др.* Геномная архитектура российской популяции зааненских коз в аспекте генофонда породы из пяти стран мира. *Сельскохозяйственная биология*. 2020; 55(2): 285–294.
https://doi.org/10.15389/agrobiology.2020.2.285rus

18. Никитина М.М., Виль Л.Г. Тип телосложения и морфологические показатели вымени коров красно-пестрой породы в Республике Хакасия. *Аграрная наука*. 2024; (8): 107–111.
https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-385-8-107-111

19. Yao X. *et al.* Genomic Landscape and Prediction of Udder Traits in Saanen Dairy Goats. *Animals*. 2025; 15(2): 261.
https://doi.org/10.3390/ani15020261

20. Talouarn E. *et al.* Genome wide association analysis on semen volume and milk yield using different strategies of imputation to whole genome sequence in French dairy goats. *BMC Genetics*. 2020; 21: 19.
https://doi.org/10.1186/s12863-020-0826-9

21. Massender E. *et al.* Genome-wide association study for milk production and conformation traits in Canadian Alpine and Saanen dairy goats. *Journal of Dairy Science*. 2023; 106(2): 168–1189.
https://doi.org/10.3168/jds.2022-22223

22. Martin P. *et al.* A genome scan for milk production traits in dairy goats reveals two new mutations in *Dgat1* reducing milk fat content. *Scientific Reports*. 2017; 7: 1872.
https://doi.org/10.1038/s41598-017-02052-0

23. Ferreira L. *et al. UCP2* and *PPARG* gene polymorphisms and their association with milk yield and composition traits in goats. *Small Ruminant Research*. 2020; 192: 106210.
https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2020.106210

24. Bagatoli A. *et al.* Association between polymorphisms of *APOB*, *SLC27A6*, *AGPAT6* and *PRLR* genes and milk production and quality traits in goat. *Small Ruminant Research*. 2021; 203: 106484.
https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2021.106484

25. Wu Yu. *et al.* Association analysis of single-nucleotide polymorphism in prolactin and its receptor with productive and body conformation traits in Liaoning cashmere goats. *Archives Animal Breeding*. 2022; 65(2); 145–155.
https://doi.org/10.5194/aab-65-145-2022

26. Xiong J., Bao J., Hu W., Shang M., Zhang L. Whole-genome resequencing reveals genetic diversity and selection characteristics of dairy goat. *Frontiers in Genetics*. 2023; 13: 1044017.
https://doi.org/10.3389/fgene.2022.1044017

27. Scholtens M. *et al.* Genome-wide association studies of lactation yields of milk, fat, protein and somatic cell score in New Zealand dairy goats. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 2020; 11: 55.
https://doi.org/10.1186/s40104-020-00453-2

28. Mucha S., Mrode R., Coffey M., Kizilaslan M., Desire S., Conington J. Genome-wide association study of conformation and milk yield in mixed-breed dairy goats. *Journal of Dairy Science*. 2018; 101(3): 2213–2225.
https://doi.org/10.3168/jds.2017-12919

29. Прытков Ю.А., Иолчиев Б.С., Волкова Н.А. Аспекты использования межвидовой гибридизации коз. *Аграрная наука*. 2020; (7–8): 35–38.
https://doi.org/10.32634/0869-8155-2020-340-7-35-38

30. Санников М.Ю., Новопашина С.И., Хататаев С.А., Кизилова Е.И. Молочная продуктивность помесей коз в зааненском типе при скрещивании с козлами нубийской породы. *Молочное и мясное скотоводство*. 2021; (3): 28–31.
https://doi.org/10.33943/MMS.2021.94.70.006

11. Sannikov M.Yu. *et al.* Modern achievements in dairy goat breeding. *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy*. 2019; (6): 141–149 (in Russian).
https://elibrary.ru/yskfkj

12. Zonaed Siddiki A.M.A.M. *et al.* Goat Genomic Resources: The Search for Genes Associated with Its Economic Traits. *International Journal of Genomics*. 2020; 2020: 5940205.
https://doi.org/10.1155/2020/5940205

13. Fedorova E.G., Smolin S.G. Genotypic and paratypic factors influence on the raw cow's milk quality and properties for the cheese-making industry. *Bulletin of KrasGAU*. 2022; (2): 157–163 (in Russian).
https://doi.org/10.36718/1819-4036-2022-2-157-163

14. Krivoruchko A.Yu., Egorova T.Yu., Zuev R.V. Genome-wide association study as a promising method in the livestock breeding industry (review). *Agricultural journal*. 2024; (4): 84–97 (in Russian).
https://elibrary.ru/njsdph

15. Miroshina T.A., Chalova N.A. Dairy goat breeding state in Russia and in the world (review). *Bulletin of KrasGAU*. 2022; (10): 123–130 (in Russian).
https://doi.org/10.36718/1819-4036-2022-10-123-130

16. Karpova E.D., Surov A.I., Alimova V.R., Firsova A.M. Dynamics of the number of Saanen goats in the Russian Federation and their milk yield. *Agricultural journal*. 2024; (4): 54–63 (in Russian).
https://elibrary.ru/bojadu

17. Deniskova T.E. *et al*. The genomic architecture of the Russian population of Saanen goats in comparison with worldwide Saanen gene pool from five countries. *Agricultural Biology*. 2020; 55(2): 285–294.
https://doi.org/10.15389/agrobiology.2020.2.285eng

18. Nikitina M.M., Vil L.G. Body type and morphological indicators of the udder of red-motley cows in the Republic of Khakassia. *Agrarian science*. 2024; (8): 107–111 (in Russian).
https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-385-8-107-111

19. Yao X. *et al.* Genomic Landscape and Prediction of Udder Traits in Saanen Dairy Goats. *Animals*. 2025; 15(2): 261.
https://doi.org/10.3390/ani15020261

20. Talouarn E. *et al.* Genome wide association analysis on semen volume and milk yield using different strategies of imputation to whole genome sequence in French dairy goats. *BMC Genetics*. 2020; 21: 19.
https://doi.org/10.1186/s12863-020-0826-9

21. Massender E. *et al.* Genome-wide association study for milk production and conformation traits in Canadian Alpine and Saanen dairy goats. *Journal of Dairy Science*. 2023; 106(2): 168–1189.
https://doi.org/10.3168/jds.2022-22223

22. Martin P. *et al.* A genome scan for milk production traits in dairy goats reveals two new mutations in *Dgat1* reducing milk fat content. *Scientific Reports*. 2017; 7: 1872.
https://doi.org/10.1038/s41598-017-02052-0

23. Ferreira L. *et al. UCP2* and *PPARG* gene polymorphisms and their association with milk yield and composition traits in goats. *Small Ruminant Research*. 2020; 192: 106210.
https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2020.106210

24. Bagatoli A. *et al.* Association between polymorphisms of *APOB*, *SLC27A6*, *AGPAT6* and *PRLR* genes and milk production and quality traits in goat. *Small Ruminant Research*. 2021; 203: 106484.
https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2021.106484

25. Wu Yu. *et al.* Association analysis of single-nucleotide polymorphism in prolactin and its receptor with productive and body conformation traits in Liaoning cashmere goats. *Archives Animal Breeding*. 2022; 65(2); 145–155.
https://doi.org/10.5194/aab-65-145-2022

26. Xiong J., Bao J., Hu W., Shang M., Zhang L. Whole-genome resequencing reveals genetic diversity and selection characteristics of dairy goat. *Frontiers in Genetics*. 2023; 13: 1044017.
https://doi.org/10.3389/fgene.2022.1044017

27. Scholtens M. *et al.* Genome-wide association studies of lactation yields of milk, fat, protein and somatic cell score in New Zealand dairy goats. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 2020; 11: 55.
https://doi.org/10.1186/s40104-020-00453-2

28. Mucha S., Mrode R., Coffey M., Kizilaslan M., Desire S., Conington J. Genome-wide association study of conformation and milk yield in mixed-breed dairy goats. *Journal of Dairy Science*. 2018; 101(3): 2213–2225.
https://doi.org/10.3168/jds.2017-12919

29. Prytkov Yu.A., Iolchiev B.S., Volkova N.A. Aspects of using interspecific hybridization of goats. *Agrarian science*. 2020; (7–8): 35–38 (in Russian).
https://doi.org/10.32634/0869-8155-2020-340-7-35-38

30. Sannikov M.Yu., Novopashina S.I., Khatataev S.A., Kizilova E.I. Dairy productivity of Zaanen type goats hybrids from crossing with the Nubian breed bucks. *Dairy and beef cattle farming*. 2021; (3): 28–31 (in Russian).
https://doi.org/10.33943/MMS.2021.94.70.006

31. Селионова М.И., Айбазов А.-М.М., Гладких М.Ю. Состояние молочного овцеводства и перспективы применения геномных методов для улучшения продуктивности овец и состава молока. Овцы, козы, шерстяное дело. 2024; (1): 3–9. https://doi.org/10.26897/2074-0840-2024-1-3-9

32. Селионова М.И., Жаркова Е.К., Глущенко М.А., Беломестнов К.А. Влияние гена каппа-казеина на молочную продуктивность коз альпийской и нубийской пород. *Аграрный вестник Северного Кавказа*. 2023; (3): 34–40. https://doi.org/10.31279/2949-4796-2023-3-51-34-40

33. Селионова М.И., Беломестнов К.А., Гладких М.Ю., Глущенко М.А. Молочная продуктивность коз альпийской и нубийской пород разных генотипов по αs1-казеину и αs2-казеину. *Овцы, козы, шерстяное дело*. 2024; (4): 3–7. https://doi.org/10.26897/2074-0840-2024-4-3-7

34. Фатихов А.Г., Хаертдинов Р.А. Влияние уровня содержания α_{s1}- и β-казеинов в козьем молоке на его аллергенные, термостабильные и сыродельческие свойства. *Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н.Э. Баумана.* 2017; 230: 163–167. https://elibrary.ru/yusjlr

35. Kang X. *et al.* Copy number variation analysis reveals variants associated with milk production traits in dairy goats. *Genomics*. 2020; 112(6): 4934–4937. https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2020.09.007

36. Zhao J. *et al.* Whole genome and transcriptome analyses in dairy goats identify genetic markers associated with high milk yield. *International Journal of Biological Macromolecules*. 2025; 292: 139285. https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2024.139192

37. Brzáková M., Rychtářová J., Čítek J., Sztankóová Z. A Candidate Gene Association Study for Economically Important Traits in Czech Dairy Goat Breeds. *Animals*. 2021; 11(6): 1796. https://doi.org/10.3390/ani11061796

38. Ni M. *et al. BDH1* identified by transcriptome has a negative effect on lipid metabolism in mammary epithelial cells of dairy goats. *BMC Genomics*. 2025; 26: 66. https://doi.org/10.1186/s12864-025-11245-1

39. Трухачев В.И., Селионова М.И., Зиновьева Н.А., Айбазов А.-М.М., Белоус А.А. Полногеномный поиск ассоциаций однонуклеотидных замен с показателями молока карачаевских коз. *Достижения науки и техники АПК.* 2023; 37(12): 17–23. https://elibrary.ru/odqabu

40. Selionova M. *et al.* Genome-Wide Association Study of Milk Composition in Karachai Goats. *Animals*. 2024; 14(2): 327. https://doi.org/10.3390/ani14020327

41. Yakan A., Özkan H., Şakar A.E., Ünal N., Özbeyaz C. Gene expression levels in some candidate genes for mastitis resistance, milk yield, and milk quality of goats reared under different feeding systems. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*. 2018; 42(1): 18–28. https://doi.org/10.3906/vet-1704-7

ОБ АВТОРАХ

Александр Иванович Суров
доктор сельскохозяйственных наук,
главный научный сотрудник
surov.stv@yandex.ru
https://orcid.org/0000-0002-3892-6621

Валерия Александровна Степаненко
младший научный сотрудник
stepanenko-lera@mail.ru
https://orcid.org/0009-0005-7740-450X

Екатерина Сергеевна Галанова
младший научный сотрудник
kate1726@yandex.ru
https://orcid.org/0009-0004-8466-6092

Елена Владимировна Синякина
младший научный сотрудник
noctuaspei@gmail.com
https://orcid.org/0009-0004-7560-3890

Екатерина Дмитриевна Карпова
кандидат биологических наук, заведующая лабораторией перспективных молочных ресурсов
karpova@fnac.center
https://orcid.org/0000-0002-3900-4434

Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр,
ул. Никонова, 49, Михайловск, Ставропольский край,
356241, Россия

31. Selionova M.I., Aybazov A.-M.M., Gladkikh M.Yu. The state of dairy sheep farming and prospects for the use of genomic methods to improve sheep productivity and milk composition. *Sheep, goats, wool business*. 2024; (1): 3–9 (in Russian). https://doi.org/10.26897/2074-0840-2024-1-3-9

32. Selionova M.I., Zharkova E.K., Glushchenko M.A., Belomestnov K.A. The effect of the kappa-casein gene on the dairy productivity of Alpine and Nubian goats. *Agrarian bulletin of the North Caucasus*. 2023; (3): 34–40 (in Russian). https://doi.org/10.31279/2949-4796-2023-3-51-34-40

33. Selionova M.I., Belomestnov K.A., Gladkikh M.Yu., Glushchenko M.A. Milk productivity of goats of alpine and nubian breeds of different genotypes for αs1-casein and αs2-casein. *Sheep, goats, wool business*. 2024; (4): 3–7 (in Russian). https://doi.org/10.26897/2074-0840-2024-4-3-7

34. Fatikhov A.G., Haertdinov R.A. Influence of the level of content of α_{s1}- and β-casesins in goat milk on its allergenic, thermostable, suitability of cheese properties. *Scientific notes Kazan Bauman State Academy of Veterinary Medicine*. 2017; 230: 163–167 (in Russian). https://elibrary.ru/yusjlr

35. Kang X. *et al.* Copy number variation analysis reveals variants associated with milk production traits in dairy goats. *Genomics*. 2020; 112(6): 4934–4937. https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2020.09.007

36. Zhao J. *et al.* Whole genome and transcriptome analyses in dairy goats identify genetic markers associated with high milk yield. *International Journal of Biological Macromolecules*. 2025; 292: 139285. https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2024.139192

37. Brzáková M., Rychtářová J., Čítek J., Sztankóová Z. A Candidate Gene Association Study for Economically Important Traits in Czech Dairy Goat Breeds. *Animals*. 2021; 11(6): 1796. https://doi.org/10.3390/ani11061796

38. Ni M. *et al. BDH1* identified by transcriptome has a negative effect on lipid metabolism in mammary epithelial cells of dairy goats. *BMC Genomics*. 2025; 26: 66. https://doi.org/10.1186/s12864-025-11245-1

39. Trukhachev V.I., Selionova M.I., Zinovieva N.A., Aibazov A.-M.M., Belous A.A. Genome-wide search for associations of single-nucleotide substitutions with milk parameters of Karachay goats. *Achievements of science and technology in agribusiness*. 2023; 37(12): 17–23 (in Russian). https://elibrary.ru/odqabu

40. Selionova M. *et al.* Genome-Wide Association Study of Milk Composition in Karachai Goats. *Animals*. 2024; 14(2): 327. https://doi.org/10.3390/ani14020327

41. Yakan A., Özkan H., Şakar A.E., Ünal N., Özbeyaz C. Gene expression levels in some candidate genes for mastitis resistance, milk yield, and milk quality of goats reared under different feeding systems. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*. 2018; 42(1): 18–28. https://doi.org/10.3906/vet-1704-7

ABOUT THE AUTHORS

Alexander Ivanovich Surov
Doctor of Agricultural Sciences,
Chief Researcher
surov.stv@yandex.ru
https://orcid.org/0000-0002-3892-6621

Valeria Alexandrovna Stepanenko
Junior Researcher
stepanenko-lera@mail.ru
https://orcid.org/0009-0005-7740-450X

Ekaterina Sergeevna Galanova
Junior Researcher
kate1726@yandex.ru
https://orcid.org/0009-0004-8466-6092

Elena Vladimirovna Sinyakina
Junior Researcher
noctuaspei@gmail.com
https://orcid.org/0009-0004-7560-3890

Ekaterina Dmitrievna Karpova
Candidate of Biological Sciences, Head of the Laboratory of Advanced Dairy Resources
karpova@fnac.center
https://orcid.org/0000-0002-3900-4434

North Caucasus Federal Agrarian Research Centre,
49 Nikonov Str., Mikhailovsk, Stavropol Territory, 356241,
Russia